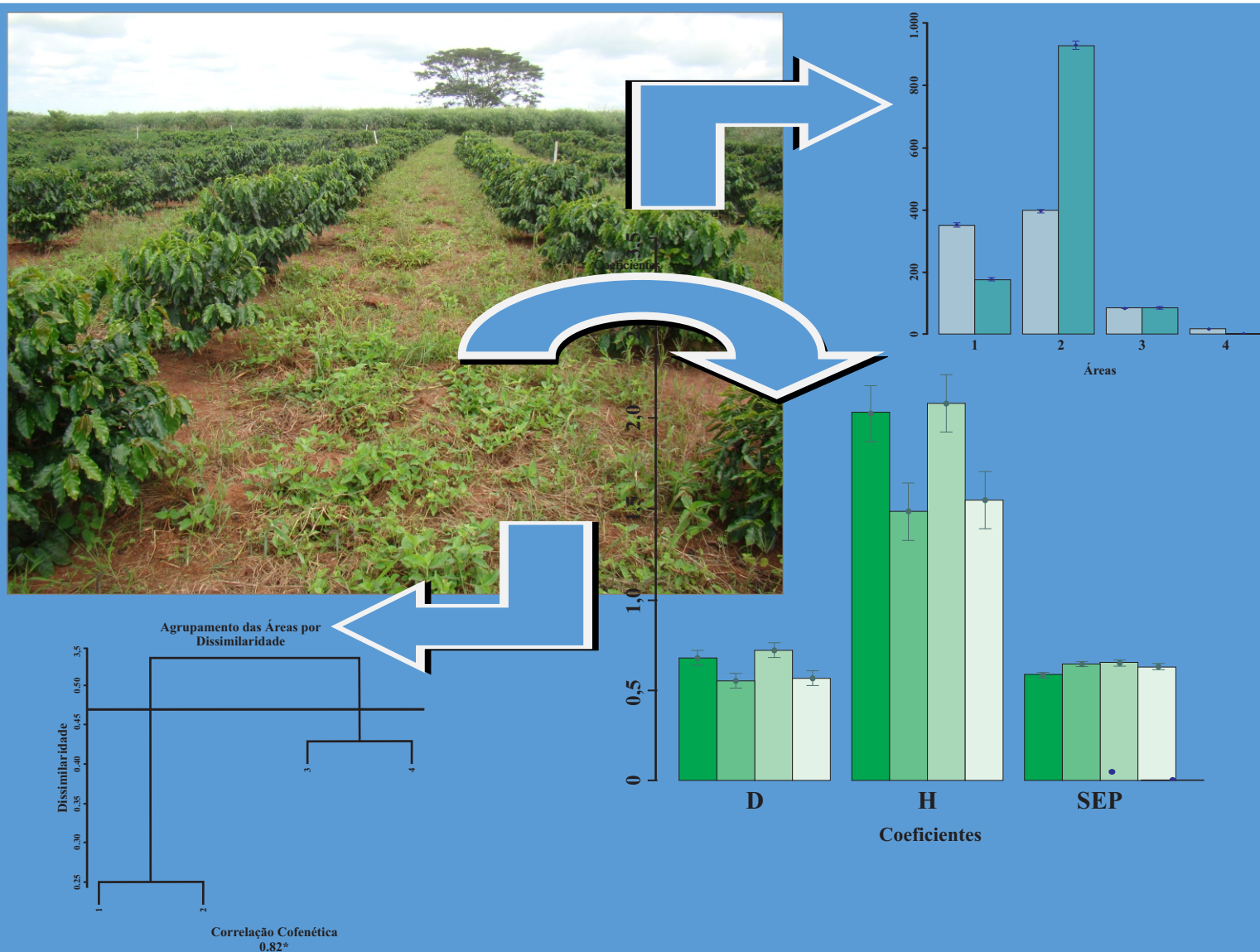


## Análises Fitossociológicas de Plantas Daninhas Método Aplicado ao Ambiente “R”





ISSN 1679-043X  
Agosto, 2015

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Embrapa Agropecuária Oeste  
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

## **Documentos 129**

# **Análises Fitossociológicas de Plantas Daninhas Método Aplicado ao Ambiente “R”**

*Germani Concenção*

*Embrapa Agropecuária Oeste  
Dourados, MS  
2015*

**Embrapa Agropecuária Oeste**

BR 163, km 253,6

Trecho Dourados-Caarapó

79804-970 Dourados, MS

Caixa Postal 449

Fone: (67) 3416-9700

Fax: (67) 3416-9721

[www.embrapa.br/agropecuaria-oeste](http://www.embrapa.br/agropecuaria-oeste)

[www.embrapa.br/fale-conosco/sac](http://www.embrapa.br/fale-conosco/sac)

**Comitê de Publicações da Unidade**

Presidente: *Harley Nonato de Oliveira*

Secretária-Executiva: *Silvia Mara Belloni*

Membros: *Auro Akio Otsubo, Clarice Zanoni Fontes, Danilton Luiz Flumignan, Ivo de Sá Motta, Marciana Retore, Michely Tomazi, Oscar Fontão de Lima filho e Tarcila Souza de Castro Silva*

Membros suplentes: *Augusto César Pereira Goulart e Crébio José Ávila*

Supervisão editorial: *Eliete do Nascimento Ferreira*

Revisão de texto: *Eliete do Nascimento Ferreira*

Normalização bibliográfica: *Eli de Lourdes Vasconcelos*

Editoração eletrônica: *Eliete do Nascimento Ferreira*

Ilustração da capa: *Germani Concenço*

**1ª edição**

On-line (2015)

**Todos os direitos reservados.**

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei Nº 9.610).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)**

Embrapa Agropecuária Oeste

---

Concenço, Germani

Análises fitossociológicas de plantas daninhas: método aplicado ao ambiente "R" / Germani Concenço. – Dourados, MS : Embrapa Agropecuária Oeste, 2015.

30 p. : il. color. ; 16 x 21 cm. – (Documentos / Embrapa Agropecuária Oeste, ISSN 1679-043X ; 129).

1. Planta daninha – Análise fitossociológica – Automação – Script. I. Embrapa Agropecuária Oeste. II. Título. III. Série.

---

# Autor

---

**Germani Concenço**

Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitotecnia (Produção Vegetal),  
pesquisador da Embrapa Agropecuária Oeste, Dourados, MS.



# Apresentação

---

Para atender ao enorme desafio de produzir cada vez mais, com eficiência e sustentabilidade, a agricultura moderna tem-se alicerçado, imperiosamente, no conhecimento e na inovação tecnológica. A gestão do negócio agrícola, tanto nos aspectos técnicos quanto econômicos, exige informações precisas para tomadas de decisões rápidas e eficazes.

No que tange ao manejo dos cultivos, os aspectos relacionados à presença e ao controle de plantas daninhas fazem parte de constante preocupação de produtores e técnicos, considerando as perdas de produtividade de culturas que podem ser causadas por essas plantas.

Informações sobre espécies de plantas daninhas presentes em determinada propriedade ou gleba agrícola, seu nível de infestação e forma de distribuição, bem como a forma como cada uma delas compete com a cultura e impacta a produtividade, são de capital importância para definir as estratégias de manejo.

Dentre os métodos mais efetivos para o levantamento da ocorrência de plantas daninhas, destaca-se o método fitossociológico. Embora eficiente e de rápida execução no campo, o processamento dos dados coletados e sua transformação em tabelas e figuras de fácil interpretação prática é complexo e, portanto, propenso a erros.

Para sanar esta limitação na adoção do método fitossociológico da avaliação de ocorrência de plantas daninhas, foi desenvolvido um script para o ambiente estatístico <<R>>, que automatiza todo o processamento dos dados e a geração das figuras e das tabelas finais em questão de minutos, minimizando ainda a chance de erros durante o processamento.

Ao disponibilizar este trabalho, a Embrapa Agropecuária Oeste espera que o mesmo seja de grande valia para técnicos e demais profissionais envolvidos no manejo de plantas daninhas em áreas agrícolas, contribuindo para o aprimoramento das técnicas de produção agropecuárias.

*Guilherme Lafourcade Asmus*  
Chefe-Geral





# Sumário

---

<b>Análises Fitossociológicas de Plantas Daninhas</b>	
<b>Método Aplicado ao Ambiente “R”</b>	9
<b>Resumo</b>	9
<b>Abstract</b>	10
<b>Introdução</b>	11
<b>Antes de utilizar o script</b>	12
1) Adequações no ambiente “R”	12
2) Preparação do conjunto de dados	13
<b>Pontos do script que necessitam de atenção do operador</b>	20
<b>O script em miúdos</b>	26
1) Precisão	26
2) Infestação absoluta	27
3) Tabelas fitossociológicas	27
4) Diversidades e SEP	28
5) Agrupamento por dissimilaridade	28
<b>Referências</b>	30



# Análises Fitossociológicas de Plantas Daninhas

## Método Aplicado ao Ambiente “R”

---

*Germani Concenço*

### Resumo

---

O presente trabalho fornece um script para ser executado no ambiente R, que permite a automatização de análises fitossociológicas de espécies vegetais, sejam elas daninhas ou não. O documento constitui-se em um passo a passo para execução do script, destacando todos os pontos que demandam atenção do usuário, incluindo o esclarecimento das fórmulas e procedimentos adotados durante o processamento dos dados.

**Termos para indexação:** fitossociologia; automatização; R.

# Phytosociological Analysis of Weeds

## Method Applied to the R Environment

---

### Abstract

---

The present document supplies a script to be used in the R environment which allows the automation of phytosociological analysis of plant species, weedy or not. This document is a stepbystep guide for execution of the script, highlighting all points where user attention is demanded, clarifying also all formulas and procedures adopted throughout data processing.

**Index terms:** phytosociology; automation; R.

## Introdução

---

Levantamento fitossociológico, em termos simples, é um grupo de métodos de avaliação ecológica cujo objetivo é prover visão compreensiva da composição e da distribuição de espécies vegetais em uma comunidade. Esses métodos foram originalmente desenvolvidos para descrever comunidades relativamente estáveis e sólidas, como florestas e campos nativos, com pouca ou nenhuma intervenção antropológica (PANDEYA et al., 1968), sendo, no entanto, amplamente adotados em outras áreas do conhecimento.

Em período mais recente, esse grupo de métodos é amplamente aplicado a estudos de sistemas agrícolas e terras cultiváveis (ADEGAS et al., 2010; GUGLIERICAPORAL et al., 2010; FIALHO et al., 2011), assumindo papel importante na ciência das plantas daninhas. O termo “fitossociologia”, no entanto, está diretamente associado à estrutura e associação de espécies vegetais. Associações deste tipo, embora ocorram na natureza, são controversas em determinados aspectos porque dependem muito do efeito dos fatores bióticos e abióticos atuantes na comunidade (GREIGSMITH, 1964). Logo, uma associação entre determinadas espécies pode ser válida somente em certas condições.

Para compreender a aplicabilidade dos levantamentos fitossociológicos à ciência das plantas daninhas, suas bases ecológicas necessitam ser entendidas e os métodos mais adequados selecionados, porque áreas cultivadas apresentam grupo bastante distinto de fatores de seleção comparado ao ambiente natural, normalmente livre de distúrbio. Arações ou aplicações de herbicidas são fatores de seleção muito mais poderosos e instantâneos do que muitos dos fatores da natureza (FRENEDOSOSOAVE, 2003; MALIK et al., 2007).

Os aspectos conceituais dos levantamentos fitossociológicos, junto à proposição de um conjunto de métodos a ser adotado na ciência das plantas daninhas, são apresentados em Concenção et al. (2013), que aborda desde as avaliações no campo ao processamento dos dados no escritório. O processamento destes dados, no entanto, é oneroso e bastante propenso a erros, por causa do grande volume de informações a ser processado concomitantemente.

Para resolver esta dificuldade, disponibiliza-se neste trabalho um script desenvolvido para o ambiente estatístico “R” (R CORE TEAM, 2014), que automatiza o processamento dos dados, fornecendo de imediato todas as tabelas e gráficos oriundos das análises dos dados brutos de campo. Trabalho que levaria dias de um pesquisador pode ser executado em minutos com auxílio deste script, eliminando-se ainda chances de equívocos no processamento dos dados.

Os princípios técnicos para o levantamento de campo e da escolha do conjunto de métodos apresentados a seguir são encontrados em Concenção et al. (2013); no presente trabalho, no entanto, é apresentado em detalhes a operacionalização da análise dos dados para que o pesquisador possa alterar o funcionamento do script, visando englobar outros métodos e fórmulas, se assim achar conveniente.

## Antes de Utilizar o Script

Este script foi desenvolvido para uso próprio, mas, em razão de sua utilidade e praticidade, está sendo disponibilizado aos usuários em geral; porém, é fornecido “*as is*”. Embora o script tenha sido exaustivamente testado e aprimorado, os autores não podem assumir responsabilidade por prejuízos decorrentes do seu uso. Cabe ao usuário verificar o script e corrigi-lo para uso pessoal, se necessário.

### 1) Adequações no ambiente “R”

O primeiro passo é instalar o sistema “R”, que pode ser encontrado no endereço <[www.r-project.org](http://www.r-project.org)>. Esta parte será deixada a cargo do usuário. Ao longo do processo de instalação do software, dos pacotes necessários e do uso do script, é sugerido o acompanhamento de alguém com conhecimento básico no sistema “R”.

A seguir serão fornecidas instruções passo a passo que tornarão possível executar o script sem problemas. Após o sistema instalado, ao executar o software “R”, a seguinte janela será exibida (com pequenas variações):

```
R version 3.0.2 (2013-09-25) -- "Frisbee Sailing"
Copyright (C) 2013 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-pc-linux-gnu (64-bit)

R é um software livre e vem sem GARANTIA ALGUMA.
Você pode redistribuí-lo sob certas circunstâncias.
Digite 'license()' ou 'licence()' para detalhes de distribuição.

R é um projeto colaborativo com muitos contribuidores.
Digite 'contributors()' para obter mais informações e
'citation()' para saber como citar o R ou pacotes do R em publicações.

Digite 'demo()' para demonstrações, 'help()' para o sistema on-line de ajuda,
ou 'help.start()' para abrir o sistema de ajuda em HTML no seu navegador.
Digite 'q()' para sair do R.

>
```

O sinal de maior ( > ) indica que o “R” está pronto para ser usado, aguardando comandos. Com o software aberto, antes de utilizar o script, algumas adequações precisam ser feitas no sistema “R”. O primeiro passo é a instalação dos pacotes de funções necessários ao funcionamento do script. Além de funções disponíveis nos pacotes de base do R, o script utiliza comandos disponibilizados pelos seguintes pacotes: Hmisc, plyr, vegan, Cairo e ExpDes, que devem ser instalados pelo usuário antes da primeira utilização.

Estando o computador conectado à internet, a instalação de pacotes no “R” é feita com o seguinte comando:

```
install.packages("nomedopacote", dep=TRUE) # Manter nome do pacote entre aspas
```

A maioria dos pacotes instala sem maiores problemas com a declaração “dep=TRUE”, o que recupera do servidor, além do pacote principal, também outros dos quais o pacote solicitado depende para funcionar. Lembre-se de respeitar maiúsculas e minúsculas no ambiente “R”, seja no Windows, Linux ou MacOSX. Com os pacotes instalados, o script os carregará automaticamente antes de cada uso.

O pacote `Hmisc` depende dos pacotes `grid`, `lattice`, `survival`, `splines` e `Formula`. Caso surja algum problema na instalação deste pacote, tente instalar primeiro as dependências. O pacote `plyr` não tem dependências. O pacote `vegan` depende dos pacotes `permute` e `lattice`. O pacote `ExpDes` não tem dependências. Todos estes pacotes devem instalar sem problemas com o comando “`install.packages`”.

A instalação do pacote `Cairo` não tem dependências no Windows, devendo também instalar sem maiores percalços. No Linux, dependendo de sua distribuição, a instalação do pacote `Cairo` pode ser desafiadora. Para distribuições baseadas em Ubuntu (`ubuntu`, `xubuntu`, `kubuntu`, `edubuntu`, etc.), antes de tentar instalar o pacote `Cairo` dentro do “R”, instale as seguintes bibliotecas do Linux (como usuário “root”), antes de executar o “R”:

```
apt-get update # para atualizar a lista de pacotes do Linux
```

```
apt-get install libgtk2.0-dev libcairo2-dev xvfb xauth xfonts-base  
libxt-dev r-base-dev # para instalar as bibliotecas que darão apoio ao pacote Cairo no  
“R”.
```

Com estes pacotes instalados, o uso do comando “`install.packages`” dentro do software “R” normalmente é suficiente para instalar o pacote `Cairo` também no Linux.

Ajuda para instalação de qualquer um dos pacotes pode ser obtida no repositório oficial do “R” ao acessar o seguinte endereço com um navegador de internet:

```
http://cran.r-project.org/package=nomedopacote
```

## 2) Preparação do conjunto de dados

O presente documento será exemplificado com dados de um experimento real com cana-de-açúcar com dois fatores, sendo o fator 1 duas variedades de cana e o fator 2 aplicação ou não da prática de desaleiramento do palhicho (remoção da palhada das linhas da cultura). Espera-se determinar:

a variedade mais capaz de inibir as plantas daninhas, o efeito do desaleiramento na composição e no nível de ocorrência de plantas daninhas. O croqui do experimento no campo segue abaixo:

Bloco 1		Bloco 2		Bloco 3		Bloco 4	
variedade 1 desaleirada	variedade 2 desaleirada	variedade 2 não-desaleirada	variedade 2 desaleirada	variedade 1 desaleirada	variedade 2 não-desaleirada	variedade 2 desaleirada	variedade 1 desaleirada
variedade 2 não-desaleirada	variedade 1 não-desaleirada	variedade 1 não-desaleirada	variedade 1 desaleirada	variedade 2 desaleirada	variedade 1 não-desaleirada	variedade 2 não-desaleirada	variedade 1 não-desaleirada

Quatro tratamentos, portanto, compõem o estudo:

**T1** – variedade 1 desaleirada

**T2** – variedade 1 não-desaleirada

**T3** – variedade 2 desaleirada

**T4** – variedade 2 não-desaleirada

x 4 repetições por tratamento  
= 16 parcelas no experimento

Em cada parcela um quadrado de 0,50 m de lado foi lançado aleatoriamente três vezes. Logo, foram avaliados 12 quadrados por tratamento (4 repetições x 3 pontos avaliados por repetição). No experimento todo, o quadrado foi lançado 48 vezes.

Em cada quadrado, todas as plantas foram identificadas por espécie, contabilizadas e coletadas (conforme metodologia descrita por Concenço et al., 2013), sendo anotados no pacote: **(1)** tratamento (1 a 4); **(2)** amostra (1 a 12); **(3)** espécie daninha; e **(4)** número de exemplares da espécie. O material foi seco em estufa com circulação forçada de ar a 65 °C até massa constante, quando obteve-se **(5)** a massa seca das plantas. Essas são as informações necessárias ao processamento da análise fitossociológica com o presente script.

Para evitar confusão na numeração das **amostras**, sugere-se que seja adotada numeração sequencial dentro de cada tratamento, considerando as repetições. Por exemplo, no tratamento 1 da repetição 1 os três quadrados lançados (três amostras) devem receber os números 1, 2 e 3; na repetição 2 do mesmo tratamento, os números dos quadrados (amostras) devem ser 4, 5 e 6; na repetição 3, amostras 7, 8 e 9 e na repetição 4 amostras 10, 11 e 12. Repetir esta sequência para os demais tratamentos. Isto evitará confusão e erros no momento de rodar o script e garantirá que os cálculos de precisão de amostragem sejam efetuados corretamente pelo script.

Os dados, após tabulados, encontram-se apresentados a seguir. Seguem, ainda, anexos a este documento PDF no formato “.csv”, os mesmos dados (para importação direta no “R”), bem como o script no formato do software “R”. Isto possibilitará ao novo usuário praticar a execução do script e comparar o resultado obtido com os fornecidos. Basicamente, um arquivo com 5 colunas deve ser organizado no Excel / Calc ou qualquer editor de planilhas que permita salvar no formato “.csv”. Essas colunas devem ser nomeadas *trat*, *amostra*, *especie*, *numero* e *massa*. Sem acentos e em minúsculas, como segue. O separador de colunas é “ponto-e-vírgula”, e o separador decimal é “vírgula”. Não há necessidade de inserir os tratamentos e amostras em ordem; o script fará os ajustes necessários ao processamento. Notar que todas as colunas, exceto “*especie*”, devem ser numéricas:



Dados como devem ser digitados no Excel / Calc				
trat	amostra	especie	numero	massa
1	3	brachiaria	2	4.69
3	3	leiteiro	2	0.18
4	5	leiteiro	2	0.18
1	1	trapoeraba	4	0.02
3	9	leiteiro	15	2.4
1	1	leiteiro	9	0.4
3	9	trapoeraba	2	0.01
4	4	macela	1	0.98
1	3	leiteiro	8	0.33
4	12	leiteiro	7	0.92
4	7	leiteiro	7	0.14
1	2	leiteiro	1	0.73
1	4	leiteiro	42	3.70
2	8	leiteiro	1	0.36
2	6	leiteiro	1	0.01
1	5	trapoeraba	1	0.04
3	1	leiteiro	13	0.95
3	5	trapoeraba	2	0.02
1	12	cordaodefrade	2	0.05
1	9	leiteiro	12	0.87
3	12	leiteiro	9	1.53
3	12	trapoeraba	2	0.01
1	8	trapoeraba	1	0.1
3	10	leiteiro	47	6.21
1	10	capimmarmelada	4	0.80
1	10	leiteiro	9	1.8
3	6	leiteiro	6	1.46
3	11	leiteiro	21	2.15
1	10	trapoeraba	5	0.08
1	10	cordaodefrade	1	0.07
3	10	trapoeraba	1	0.03
3	8	leiteiro	49	1.75
1	7	leiteiro	4	0.71
3	4	leiteiro	12	0.06
1	12	cordadeviola	1	0.39
1	12	leiteiro	9	0.77
1	8	leiteiro	16	1.17
3	11	trapoeraba	4	0.05
3	6	trapoeraba	1	0.88
1	3	capimcolchao	5	1.22
4	10	leiteiro	2	0.08
4	2	leiteiro	1	0.24
1	6	capimmarmelada	6	0.35
2	9	leiteiro	2	0.48
3	10	amargoso	1	0.45
1	2	buva	1	0.29
3	7	leiteiro	10	0.57
3	7	capimmarmelada	1	0.03
4	4	leiteiro	2	0.32
3	2	leiteiro	2	0.03
3	5	leiteiro	15	1.52
4	7	buva	1	4.82
4	1	macela	1	0.56
1	1	amargoso	1	3.57
1	2	macela	1	0.16
4	6	leiteiro	1	0.34
4	11	leiteiro	1	0.01
1	6	leiteiro	5	0.19
4	7	cordaodefrade	22	0.1
1	7	macela	2	0.43

Dados após exportados para arquivo .CSV				
trat;amostra;especie;numero;massa				
1;3;brachiaria;2;4,69				
3;3;leiteiro;2;0,18				
4;5;leiteiro;2;0,18				
1;1;trapoeraba;4;0,02				
3;9;leiteiro;15;2,4				
1;1;leiteiro;9;0,4				
3;9;trapoeraba;2;0,01				
4;4;macela;1;0,98				
1;3;leiteiro;8;0,33				
4;12;leiteiro;7;0,92				
4;7;leiteiro;7;0,14				
1;2;leiteiro;1;0,73				
1;4;leiteiro;42;3,70				
2;8;leiteiro;1;0,36				
2;6;leiteiro;1;0,01				
1;5;trapoeraba;1;0,04				
3;1;leiteiro;13;0,95				
3;5;trapoeraba;2;0,02				
1;12;cordaodefrade;2;0,05				
1;9;leiteiro;12;0,87				
3;12;leiteiro;9;1,53				
3;12;trapoeraba;2;0,01				
1;8;trapoeraba;1;0,1				
3;10;leiteiro;47;6,21				
1;10;capimmarmelada;4;0,80				
1;10;leiteiro;9;1,8				
3;6;leiteiro;6;1,46				
3;11;leiteiro;21;2,15				
1;10;trapoeraba;5;0,08				
1;10;cordaodefrade;1;0,07				
3;10;trapoeraba;1;0,03				
3;8;leiteiro;49;1,75				
1;7;leiteiro;4;0,71				
3;4;leiteiro;12;0,06				
1;12;cordadeviola;1;0,39				
1;12;leiteiro;9;0,77				
1;8;leiteiro;16;1,17				
3;11;trapoeraba;4;0,05				
3;6;trapoeraba;1;0,88				
1;3;capimcolchao;5;1,22				
4;10;leiteiro;2;0,08				
4;2;leiteiro;1;0,24				
1;6;capimmarmelada;6;0,35				
2;9;leiteiro;2;0,48				
3;10;amargoso;1;0,45				
1;2;buva;1;0,29				
3;7;leiteiro;10;0,57				
3;7;capimmarmelada;1;0,03				
4;4;leiteiro;2;0,32				
3;2;leiteiro;2;0,03				
3;5;leiteiro;15;1,52				
4;7;buva;1;4,82				
4;1;macela;1;0,56				
1;1;amargoso;1;3,57				
1;2;macela;1;0,16				
4;6;leiteiro;1;0,34				
4;11;leiteiro;1;0,01				
1;6;leiteiro;5;0,19				
4;7;cordaodefrade;22;0,1				
1;7;macela;2;0,43				
Ao se abrir o arquivo CSV em um editor de textos simples como o <i>Bloco de Notas</i> do Windows, observar que a <u>separação de colunas</u> deve estar representada por pontoevírgula ( ; ) e os valores decimais por vírgula ( , ).				

Os dados podem ser digitados conforme foram recebidos no campo, não sendo necessário organizá-los por tratamento ou amostra. O número total de linhas do arquivo da planilha não tem relação com o número de amostragens no campo, pois em um mesmo quadrado, normalmente, mais de uma espécie daninha será identificada e cada espécie será digitada em uma nova linha do arquivo. Por outro lado, quadrados que não contenham plantas daninhas não aparecerão no conjunto

de dados, sendo no entanto automaticamente contabilizados para a área total amostrada. Quando todos os quadrados de um determinado tratamento não apresentam nenhuma planta (ausência total de infestação), no entanto, o tratamento deve ser excluído da análise.

O script, na íntegra, é apresentado a seguir, e também fornecido no formato do software “R” anexo a este documento PDF. Campos identificados com `# ????? #` necessitam de atenção do operador durante a execução do script.

```

1 #####
2 # SCRIPT PARA INSERCAO DE DADOS NO R E PARA OBTER ANALISES
3 # FITOSSOCIOLOGICAS, DE DIVERSIDADE E DE SIMILARIDADE
4 #
5 # Revisao 20 - 15/mar/2015
6 #
7 # O script construira:
8 #         1) Tabela de precisao das amostragens
9 #         2) Grafico de infestacao por m2 de area
10 #        3) Tabelas fitossociologicas
11 #        4) Tabela com diversidade (D, H' e SEP)
12 #        5) Matriz de agrupamento (dissimilaridade)
13 #
14 # NOTA: Linhas identificadas por      # ????? #
15 #       necessitam de sua intervencao durante a execucao
16 #       (ver detalhes na seção de AJUDA)
17 #
18 # REVISAO bibliografica com parte teorica dos levantamentos
19 # fitossociologicos, de acordo com este script:
20 # http://dx.doi.org/10.1590/S0100-83582013000200025
21 #####
22 # Autor: Germani Concenco
23 #       Embrapa Agropecuaria Oeste
24 #       Dourados - MS
25 #       germani.concenco@embrapa.br
26 #####
27
28
29 #####
30 # SECAO 1 - Carregamento dos pacotes necessarios
31 #####
32 # Pacotes necessarios para este Script funcionar:
33 library(Hmisc)
34 library(plyr)      # Se nao tiver algum pacote,
35 library(vegan)     # instale com:
36 library(Cairo)     # install.packages("nomepacote",dep=TRUE)   # ????? 1 #
37 library(ExpDes)    # respeitando MAIUSCULAS e minusculas
38
39
40
41 #####
42 # SECAO 2- Escolher a pasta de trabalho do R
43 # O arquivo de dados a ser importado deve estar nesta pasta
44 #####
45
46 # Ajustar diretorio de trabalho
47 setwd("c:/Users/Usuario/Documents/R")      # WINDOWS      # ????? 2 #
48 # OU
49 # setwd("/home/usuario/R")                  # Exemplo para LINUX
50 getwd() # Verifica se a pasta foi selecionada corretamente
51
52
53 #####
54 # SECAO 3 - Leitura dos dados de um arquivo CSV
55 #####
56 # Carregando o arquivo de dados com o
57 # comando "read.table":
58 original<-read.table("Exemplo.csv",sep=";",h=TRUE,dec=",") # ????? 3 #
59 original
60
61 # PARTIR DE UMA LISTA PARA OBTER A MATRIZ QUE
62 # UTILIZAREMOS NO RESTO DO SCRIPT
63

```

```

64 # A tabela importada do excel deve conter 5 colunas:
65 #-----
66 #      trat      amostra      especie      numero      massa
67 #-----
68 #      1          1      caruru          8          0.321
69 #      1          2      trapoeraba      3          2.632
70 #      .          .          .          .          .
71 #      .          .          .          .          .
72 #      8          30      poaia          6          3.654
73 #-----
74
75 #####
76 #      SECAO 4 - Verificacao da lista de tratamentos e especies
77 #####
78
79 #Lista de tratamentos
80 fatTrat<-sort(factor(original$trat))
81 trats<-levels(fatTrat)
82 # Lista de especies
83 especies<-sort(levels(original$especie))
84 trats                                     # ????? 4 #
85 especies
86
87 #####
88 #      SECAO 5 - Obter as frequencias das especies
89 #####
90
91 freqT<-table(original$trat,original$especie)
92 frequencias<-as.data.frame(t(freqT))
93 tabFreq<-matrix(data=frequencias[,3],nrow=length(especies),ncol=length(trats))
94 colnames(tabFreq)<-c(rep(1:(length(trats))))
95 mFreq<-as.data.frame(tabFreq)
96 generica<-data.frame(especie=especies,numero=(rep(0,length(especies))),
97 massa=(rep(0,length(especies)))) ; colnames(generica)<-c("especie","numero","massa")
98
99 #####
100 #      SECAO 6 - Dados comuns
101 #####                                     # ????? 5 #
102 namostras<-(12)                         # Insira numero de pontos amostrados (por trat/area)
103 tamostas<-(0.25)                        # Insira area amostrada em cada ponto (em m2, "ponto" como decimal)
104 m2<-(namostras*tamostas)
105 originalNum<-
106 as.data.frame(cbind(original$trat,original$amostra,original$numero,original$massa))
107 colnames(originalNum)<-c("trat","amostra","numero","massa")
108 #-----
109
110 #####
111 #      SECAO 7 - Precisao das amostragens
112 #####
113 pr<-function(x) {
114   conj<-subset(originalNum,trat==x,select=c(amostra,numero,massa));
115   PrN<-tapply.stat(conj[,2],conj[,1],stat="mean");
116   PrDe<-1/(as.numeric(var(scale(PrN[,2],center=FALSE)))) ;
117   PrM<-tapply.stat(conj[,3],conj[,1],stat="mean");
118   PrDo<-1/(as.numeric(var(scale(PrM[,2],center=FALSE)))) ;
119   Pr<-round(cbind(PrDe,PrDo),digits=2)
120   Pr
121 }
122 for(i in 1:length(trats))
123 write.table(pr(i),file="01_Precisao.csv",append=TRUE,sep=";",qmethod="double",row.names=FALSE)
124
125 #####
126 #      SECAO 8 - Infestacao absoluta
127 #####
128 Cairo(800, 800, file="02_Infestacao.png", type="png", bg="white")
129 {
130   num1<-tapply.stat(original$numero,original$trat,stat="sum");N<-num1[,2]/m2
131   mas1<-tapply.stat(original$massa,original$trat,stat="sum");M<-mas1[,2]/m2
132   kk<-as.numeric(levels(num1[,1])); num2<-cbind(kk,N);mas2<-cbind(kk,M)
133   num3<-num2[order(num2[,1]),];mas3<-mas2[order(mas2[,1]),]
134   #-----
135   epnum1<-tapply.stat(original$numero,original$trat,stat="sd");epN<-epnum1[,2]/sqrt(namostras)
136   epmas1<-tapply.stat(original$massa,original$trat,stat="sd");epM<-epmas1[,2]/sqrt(namostras)
137   epkk<-as.numeric(levels(epnum1[,1]));epnum2<-cbind(epkk,epN);epmas2<-cbind(epkk,epM)
138   epnum3<-epnum2[order(epnum2[,1]),];epmas3<-epmas2[order(epmas2[,1]),]
139   #-----
140   graf<-t(cbind(num3[,2],mas3[,2]));colnames(graf)<-c(1:length(trats))
141   maxY<-(1.2*(max(cbind(num3[,2],mas3[,2]),na.rm=TRUE))

```

```

142 +max(cbind(epnum3[,2],epmas3[,2]),na.rm=TRUE));
143 sup1<-(num3[,2]+epnum3[,2]);inf1<-(num3[,2]-epnum3[,2]);sup2<-(mas3[,2]+epmas3[,2]);inf2<-(
144 mas3[,2]-epmas3[,2])
145 cX<-(barplot(graf,beside=TRUE,xlab="Areas",cex.names=1.5,cex.axis=1.5,
146             ylim=c(0,maxY))); errbar(cX[1,],num3[,2],sup1,inf1,add=T);
147 errbar(cX[2,],mas3[,2],sup2,inf2,add=T)
148 }
149 dev.off() #
150
151 #####
152 # SECAO 9 - Tabelas fitossociologicas
153 #####
154 fs<-function(x) {
155   c<-
156   merge(subset(original,trat==x,select=c(especie,numero,masa)),generica,all.x=TRUE,all.y=TRUE);
157   DE<-tapply.stat(c$numero,c$especie,stat="sum");
158   DO<-tapply.stat(c$masa,c$especie,stat="sum");
159   de<-round(DE[,2]*100/sum(DE[,2]),digits=2);
160   fr<-round(mFreq[,x]*100/sum(mFreq[,x]),digits=2);
161   do<-round(DO[,2]*100/sum(DO[,2]),digits=2);
162   vi<-round(((de+fr+do)/(3)),digits=2);
163   area<-cbind(especies,de,fr,do,vi)
164   print(area)
165 }
166 for(i in 1:length(trats)) write.table(fs(i),file="03_Fitossociologia.csv",append=TRUE,sep=";",
167 qmethod="double",row.names=FALSE)
168
169 #####
170 # SECAO 10 - Extraindo densidades e dominancias
171 #####
172 denF<-function(x) {
173   c2<-merge(subset(original,trat==x,select=c(especie,numero)),generica,all.x=TRUE,all.y=TRUE);
174   c3<-tapply.stat(c2$numero,c2$especie,stat="sum");
175   den<-c3[,2]
176   return(den)
177 }
178 domF<-function(x) {
179   c2<-merge(subset(original,trat==x,select=c(especie,masa)),generica,all.x=TRUE,all.y=TRUE);
180   c3<-tapply.stat(c2$masa,c2$especie,stat="sum");
181   dom<-c3[,2]
182   return(dom)
183 }
184 lista1<-as.list(1:length(trats))
185 Mden1<-lapply(lista1,denF);Mdom1<-lapply(lista1,domF)
186 Mden2<-as.data.frame(Mden1);Mdom2<-as.data.frame(Mdom1)
187 colnames(Mden2)<-1:length(trats);colnames(Mdom2)<-1:length(trats)
188
189 #####
190 # SECAO 11 - Diversidades e SEP
191 #####
192 D<-diversity(Mden2,MARGIN=2,index="simpson")
193 H<-diversity(Mden2,MARGIN=2,index="shannon",base=2)
194 Hdo<-diversity(Mdom2,MARGIN=2,index="shannon",base=2)
195 SEP<-Hdo/H;grafD<-cbind(D,H,SEP);grafD[is.na(grafD)]<-0
196 sdD<-apply(grafD,2,sd);epD<-sdD/sqrt(length(trats))
197 max1<- (cbind(D,H,SEP));max2<-max(max1,na.rm=TRUE)
198 max3<-max(epD,na.rm=TRUE);maxYd<-ceiling(max2+max3)
199 sup1d<-(D+epD[1]);inf1d<-(D-epD[1])
200 sup2d<-(H+epD[2]);inf2d<-(H-epD[2]);
201 sup3d<-(SEP+epD[3]);inf3d<-(SEP-epD[3])
202 Cairo(800, 800, file="04_Diversidade.png", type="png", bg="white")
203 {
204   dX<-(barplot(grafD,beside=TRUE,xlab="Coeficientes",cex.names=1.5,cex.axis=1.5,
205               ylim=c(0,maxYd)))
206   errbar(dX[1,],grafD[,1],sup1d,inf1d,add=T);errbar(dX[,2],grafD[,2],sup2d,inf2d,add=T)
207   errbar(dX[,3],grafD[,3],sup3d,inf3d,add=T)
208 }
209 dev.off()
210
211 #####
212 # SECAO 12 - Dissimilaridade e agrupamento
213 #####
214 DeN<-t(Mden2);DeN2<-(ifelse(DeN>0,1,0))
215 similaridades<-designndist(DeN2,"J/(A+B-J)")
216 distancias<-1-similaridades
217 upgma<-hclust(distancias,method="average",members=NULL)
218 mc<-cophenetic(upgma)
219 PearCof<-cor.test(distancias,mc,method="pearson",alternative="two.sided")
220

```

```
221 ccof<-cbind(round(PearCof$estimate,digits=2),ifelse(PearCof$p.value<0.055,"*","ns"))
222 Cairo(800, 800, file="05_Dissimilaridade.png", type="png", bg="white")
223 {
224 plot(upgma,ylab="Dissimilaridade",main="Agrupamento das Areas por Dissimilaridade",
225       xlab="Correlacao Cofenetica",ylim=c(0,1),sub=paste(ccof[1,1],ccof[1,2]));
226 qqline(mean(distancias))
227 }
228 dev.off()
229 #####
230 #####
231 #####
232 #
233 #       F I M       D O       S C R I P T
234 #
235 # Procure os seguintes objetos na pasta de trabalho:
236 #   01_Precisao.csv           (Tabela)
237 #   02_Infestacao.png         (Figura)
238 #   03_Fitossociologia.csv    (Tabela)
239 #   04_Diversidade.png        (Figura)
240 #   05_Dissimilaridade.png    (Figura)
241 #
242 #####
243 #####
244
245
246
```

## Pontos do Script que Necessitam de Atenção do Operador

---

# ????? 1 # Linha 33-37	Certificar que todos os pacotes foram instalados corretamente (no primeiro uso) e foram devidamente carregados (a cada uso), conforme explicado na seção inicial do documento. O carregamento dos pacotes a cada uso é feito pelo próprio script (linhas 33 a 37). Não deve haver mensagens de erro.
# ????? 2 # Linhas 47/49/50	Caminho para a pasta (diretório) de trabalho do “R”, a partir de onde ele lerá o arquivo CSV e também salvará as figuras e tabelas geradas durante a execução do script. Mesmo no Windows, a barra ( / ) deve ser usada no lugar da contra-barras ( \ ) para indicação do caminho completo para acesso à pasta. O comando <code>setwd()</code> define a pasta e o comando <code>getwd()</code> confirma se a pasta foi selecionada com sucesso (retorna a pasta em uso).
# ????? 3 # Linha 58	Lê o arquivo CSV, gravando no objeto denominado <code>original</code> dentro do R. Os argumentos são: “ <code>exemplo.csv</code> ” é o nome do arquivo CSV, que deve ser fornecido entre aspas; <code>sep=" ; "</code> significa que o separador de colunas é “ ; ”; <code>h=TRUE</code> informa ao R que a primeira linha do arquivo contém os nomes das colunas; e <code>dec=" , "</code> define a vírgula como separador numérico decimal.
# ????? 4 # Linha 85	Ao executar a linha 85 ( <code>especies</code> ) será exibida no console do R uma lista das espécies daninhas presentes em todo o experimento. Verifique se existem espécies repetidas. Como o “R” diferencia maiúsculas de minúsculas, “Trapoeiraba” é completamente diferente de “trapoeiraba”. Similarmente, “trapoeiraba” é diferente de “trapoeiraba ” (note o espaço accidental ao final da palavra). Se espécies repetidas forem identificadas em função da redação equivocada, corrija os equívocos no arquivo original e importe novamente os dados.
# ????? 5 # Linhas 102/103	Preencher o campo <code>namostras</code> (linha 102) com o número de quadrados avaliados por tratamento (não por repetição do tratamento). No caso do exemplo fornecido junto a este script o número entre parênteses na linha 102 deve ser “12”. O campo <code>tamostras</code> (linha 103) deve representar o tamanho de cada ponto amostrado em metros quadrados – no nosso exemplo, como utilizamos um quadrado com 50 cm de lado, temos <b>0,25 m<sup>2</sup></b> (lembrar de usar ponto [ . ] como decimal). Em resumo, no exemplo mostrado neste trabalho, em cada tratamento, foram amostrados <b>12 pontos</b> de 0,25 m <sup>2</sup> cada um. Os resultados do script já serão apresentados por m <sup>2</sup> de área.
Linhas 128, 202, 222 (não obrigatório)	As figuras de infestação, diversidade e dissimilaridade foram programadas para terem formato quadrado, o que otimiza o espaço quando inseridas ao trabalho científico. Quando grande número de tratamentos for processado (por exemplo, mais que 10 tratamentos), as colunas nos gráficos poderão ficar “apertadas”

umas contra as outras; para melhorar a aparência do gráfico, será necessário tornar o gráfico mais largo do que alto.

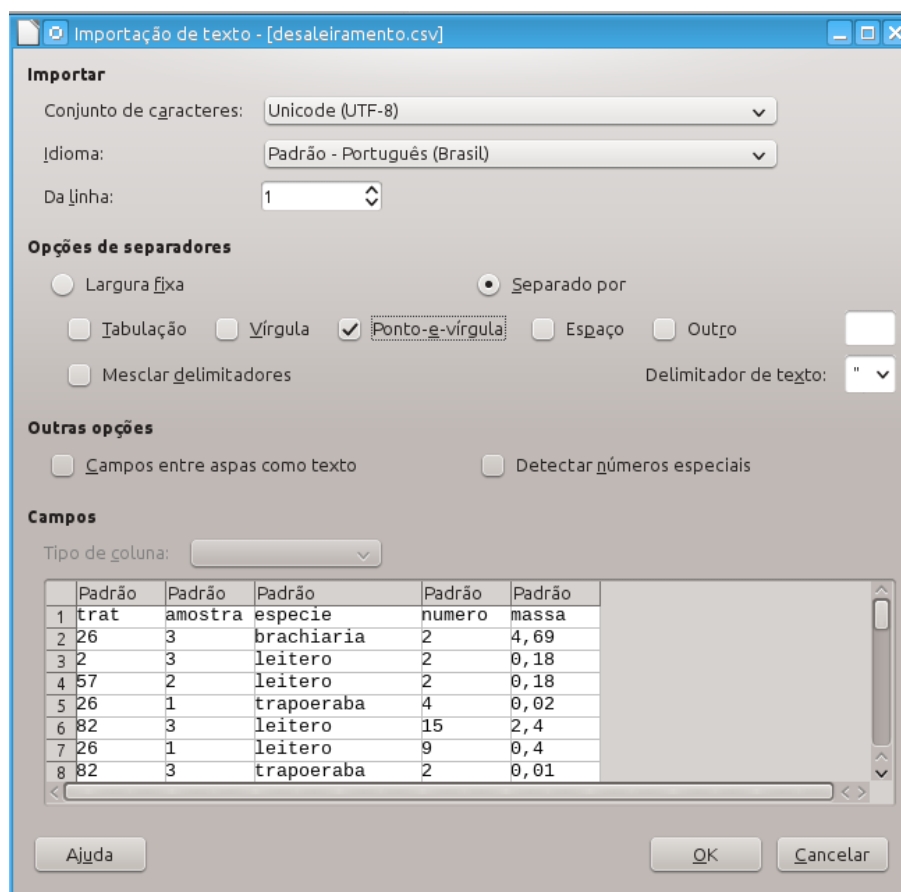
Nas linhas 128, 202 e 222, o comando `Cairo` indica a dimensão das figuras geradas. Por padrão, as figuras têm 800 x 800 pixels (largura x altura). Para mais de 10 tratamentos, ou sempre que o autor achar conveniente, a figura pode ser ampliada. Exemplo: `Cairo(800,800,.....)` pode ser alterado para `Cairo(1200,800,.....)` para obtenção de uma figura mais larga do que alta.

---

Atentando-se aos pontos enumerados, basta executar o script linha a linha. Ao finalizar a execução do script, na pasta de trabalho do “R” (que foi selecionada pelo comando “`setwd`” à linha 47), cinco arquivos estarão disponíveis:

01_Precisao.csv	(Tabela)
02_Infestacao.png	(Figura)
03_Fitossociologia.csv	(Tabela)
04_Diversidade.png	(Figura)
05_Dissimilaridade.png	(Figura)

As figuras podem ser abertas em qualquer software gráfico que suporte o formato PNG, inclusive podendo ser inseridas diretamente no Word / Writer; os arquivos “.csv” deverão ser importados no Excel / Calc, para que então as tabelas sejam facilmente copiadas para o Word / Writer. Ao clicar sobre o nome do arquivo “.csv”, uma caixa de conversão de texto para tabelas será aberta; lembre-se: ponto e vírgula ( ; ) é o separador de colunas, e vírgula ( , ) é o caractere decimal. No LibreOffice, a caixa de conversão abaixo aparece ao dar duplo-clique em um arquivo “.csv”:



As seguintes opções devem ser **marcadas**: “Separado por” e “Ponto-e-vírgula”, certificando-se que “Vírgula” esteja **desmarcada**.

As saídas do script (Tabelas 1 e 2, Figuras 1 a 3) são apresentadas a seguir como referência (as tabelas foram formatadas):

**Tabela 1.** Precisão de amostragem em função dos tratamentos avaliados.

Tratamento	Pr.De.	Pr.Do.
1 – V1/Des	1,56	1,98
2 – V1/Ndes	9	3,02
3 – V2/Des	1,9	2,82
4 – V2/Ndes	1,92	2,09

**Tratamentos:** 1 – V1/Des: variedade 1 desaleirada; 2 – V1/Ndes: variedade 1 não desaleirada; 3 – V2/Des: variedade 2 desaleirada; 4 – V2/Ndes: variedade 2 não desaleirada. **Pr.De.:** precisão de amostragem com base nos dados de densidade; **Pr.Do.:** precisão de amostragem com base nos dados de dominância.

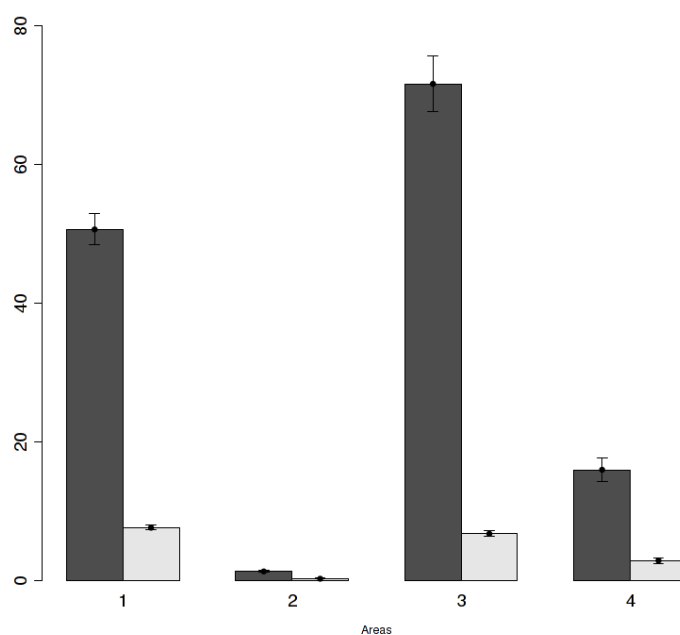


**Tabela 2.** Densidade (de), frequência (fr), dominância (do) e valor de importância (vi) de espécies de plantas daninhas em função dos tratamentos avaliados.

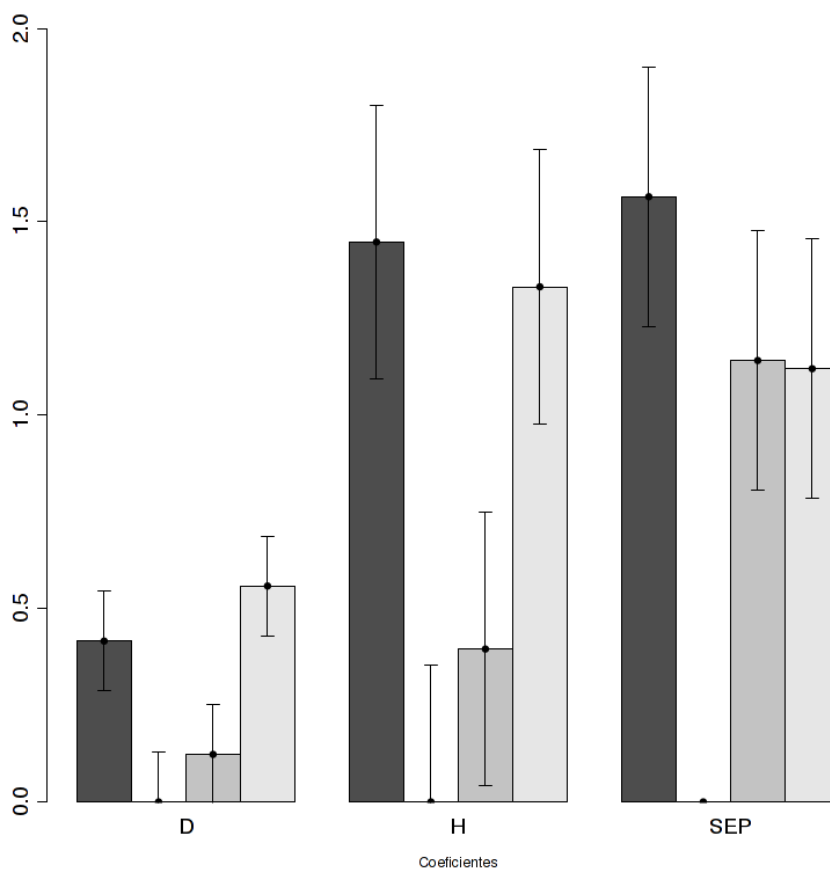
Espécie	1 – V1/Des				3 – V2/Des			
	de	fr	do	vi	de	fr	do	vi
Amargoso	0,66	4	15,57	6,74	0,47	5	2,22	2,56
Braquiária	1,32	4	20,45	8,59	0	0	0	0
Buva	0,66	4	1,26	1,97	0	0	0	0
Capim-colchão	3,29	4	5,32	4,2	0	0	0	0
Capim-marmelada	6,58	8	5,02	6,53	0,47	5	0,15	1,87
Corda-de-viola	0,66	4	1,7	2,12	0	0	0	0
Cordão-de-frade	1,97	8	0,52	3,5	0	0	0	0
Leiteiro	75,66	40	46,53	54,06	93,49	60	92,71	82,07
Macela	1,97	8	2,57	4,18	0	0	0	0
Trapoeraba	7,24	16	1,05	8,1	5,58	30	4,93	13,5

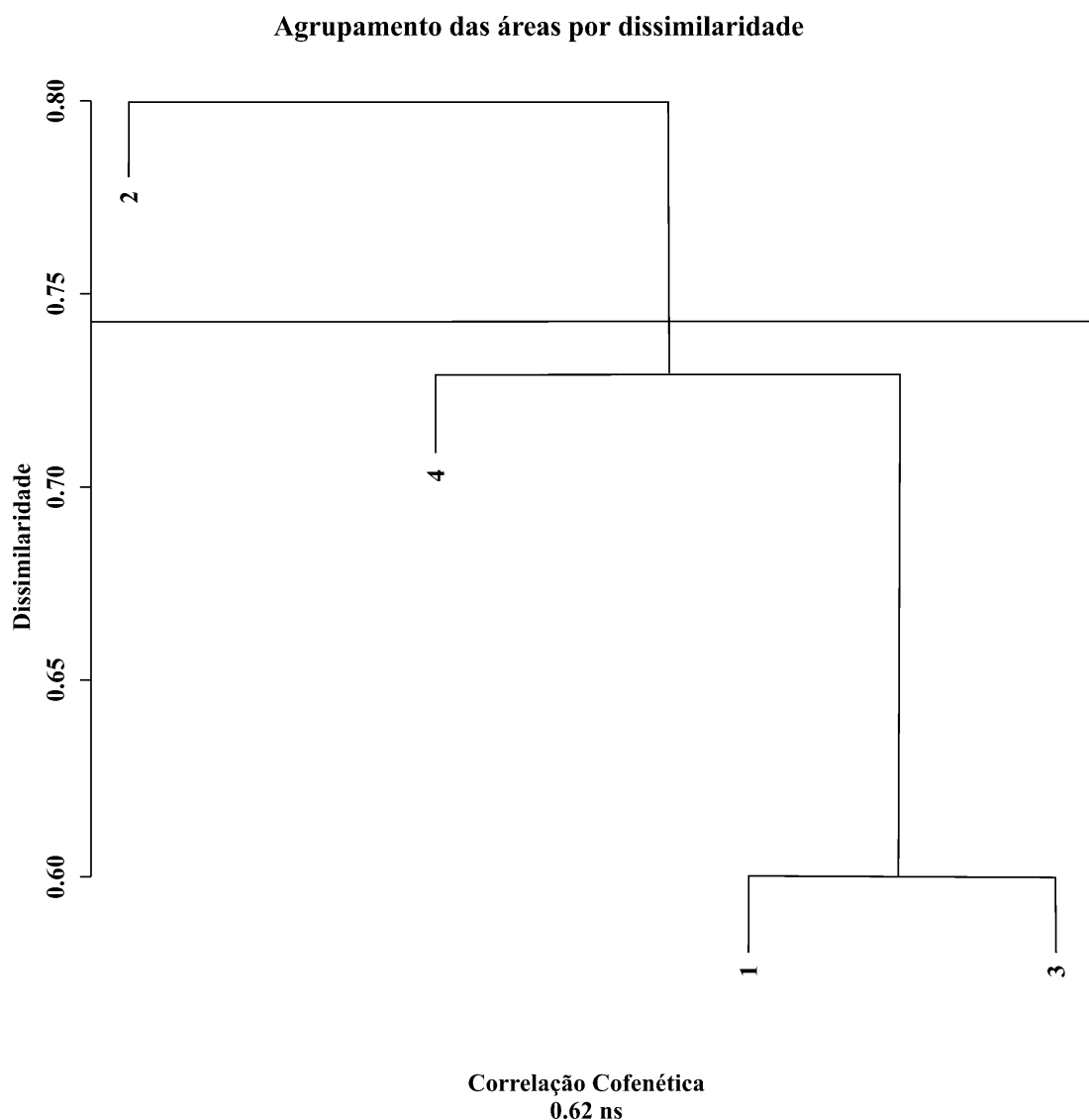
Espécie	2 – V1/Ndes				4 – V2/Ndes			
	de	fr	do	vi	de	fr	do	vi
Amargoso	0	0	0	0	0	0	0	0
Braquiária	0	0	0	0	0	0	0	0
Buva	0	0	0	0	2,08	8,33	55,47	21,96
Capim-colchão	0	0	0	0	0	0	0	0
Capim-marmelada	0	0	0	0	0	0	0	0
Corda-de-viola	0	0	0	0	0	0	0	0
Cordão-de-frade	0	0	0	0	45,83	8,33	1,15	18,44
Leiteiro	100	100	100	100	47,92	66,67	25,66	46,75
Macela	0	0	0	0	4,17	16,67	17,72	12,85
Trapoeraba	0	0	0	0	0	0	0	0



**Figura 1.** Número de indivíduos (■ - m<sup>2</sup>) e respectiva massa seca (■ - g m<sup>2</sup>) da parte aérea de espécies de plantas daninhas em função dos tratamentos avaliados.



**Figura 2.** Coeficientes de diversidade de Simpson (D) e de ShannonWeiner (H), e coeficiente de sustentabilidade (SEP) em função dos tratamentos.



**Figura 3.** Análise de agrupamento dos tratamentos avaliados por dissimilaridade de ocorrência de espécies de plantas daninhas. A dissimilaridade foi obtida com base no coeficiente de similaridade de Jaccard, e o agrupamento estruturado pelo método UPGMA. Ponto de corte definido como a média aritmética da matriz original de dissimilaridade. Significância do coeficiente de correlação cofenética é fornecido a 5% de probabilidade.

\*Significativo a 5%, ns = não significativo.

## O Script em Miúdos

### 1) Precisão

A precisão das amostragens é calculada com os dados de número de indivíduos (densidade) e também com a massa seca desses indivíduos (dominância) observada em cada quadrado avaliado por tratamento. Assim, como no exemplo deste documento, cada tratamento foi avaliado em 12 pontos (4 repetições, 3 pontos por repetição); a variação para cálculo da precisão das amostragens do tratamento foi obtida desses 12 pontos. A fórmula para cálculo da precisão das amostragens é a proposta por Barbour et al. (1998):

$$Pr = \frac{1}{s^2(\text{médias amostrais})}$$

Esta fórmula, no entanto, traz um inconveniente: para exemplificar, a variância ( $s^2$ ) de (1, 5, 8) é 12,33; a variância de (100, 500, 800) é 123.333,3 – ou seja, a variância e por consequência a precisão são afetadas pela escala. De fato, a precisão da amostragem com base na variância dos dados originais tem pouco sentido. Para tentar corrigir esta limitação, foi incluída na rotina do “R” um reescalonamento dos dados antes de obter a variância, com o seguinte comando:

```
scale(x, center=FALSE)
```

sendo X o vetor com as médias de densidades ou de dominância dos quadrados amostrados em cada tratamento. Assim, com esta transformação, propõe-se que valores de precisão maiores que “1” são indicadores de amostragem adequada. Embora esta correção não seja perfeita, ela é suficiente para dar sentido aos dados de precisão das amostragens, permitindo ainda comparações informais quanto à qualidade diferencial da amostragem entre tratamentos.

Ao finalizar a execução da seção “Precisão”, o seguinte aviso será exibido (será repetido conforme o número de tratamentos do experimento):

Mensagens de aviso perdidas:

```
1: In write.table(pr(i), file = "01_Precisao.csv", append = TRUE,
sep = ";", :
  appending column names to file
```

Isto não indica erro – é apenas um aviso de que os dados produzidos para aquele tratamento estão sendo adicionados ao arquivo 01\_Precisao.csv, e que os nomes das colunas estão sendo gravados junto aos dados.

## 2) Infestação absoluta

A infestação absoluta é obtida por uma rotina que corrige os totais de números de exemplares de plantas encontrados, e sua respectiva massa seca, pela área amostrada, fornecendo os resultados por m<sup>2</sup> de área. Para que este resultado seja correto, se faz necessário que o número de quadrados por tratamento e a área de cada quadrado seja corretamente fornecida em # ????? 5 # - linhas 102/103.

Os indicadores de variação sobre as barras fornecem o erro-padrão (para mais e para menos), e não o desvio-padrão da média.

## 3) Tabelas fitossociológicas

São geradas conforme Concenço et al. (2013), sendo a lista de espécies padronizada para todos os tratamentos. Plantas não observadas no tratamento apresentarão valor “zero” para todos os parâmetros.

Como a lista é automaticamente organizada em ordem alfabética, sugere-se fornecer ao script, nos dados originais, os nomes científicos das espécies em vez do nome comum, como foi utilizado no exemplo. Desta forma, não será preciso reorganizar as linhas posteriormente ao inserir as tabelas no trabalho científico.

A soma das colunas será 100, mesmo para valor de importância (vi). Para detalhes e justificativas, ver Concenço et al. (2013).

Ao finalizar a execução da seção “Tabelas fitossociológicas”, o seguinte aviso será exibido (será repetido conforme o número de tratamentos do experimento):

Mensagens de aviso perdidas:

```
1: In write.table(fs(i), file = "03_Fitossociologia.csv", append =  
TRUE, :  
    appending column names to file
```

Isto não indica erro – é apenas um aviso de que os dados produzidos para aquele tratamento estão sendo adicionados ao arquivo 03\_Fitossociologia.csv, e que os nomes das colunas estão sendo gravados junto aos dados.

#### 4) Diversidades e SEP

Simpson (D), ShannonWeiner (H) e ShannonEvennessProportion (SEP) são calculados conforme Concenço et al. (2013). Em termos gerais, D e H são mais adequados ao se observar maiores valores; o índice SEP descreve o balanço entre o número de indivíduos e a massa seca das espécies; portanto, valores mais neutros (próximos de zero) tendem a indicar áreas mais “sustentáveis”. Ver Concenço et al. (2013) e McManus e Pauly (1990) para mais detalhes.

A fórmula utilizada pelo R, através do pacote `vegdist`, para estimar D é onde  $D = \frac{1}{\sum p_i^2}$ , onde D = coeficiente de diversidade de Simpson;  $p_i$  = proporção de indivíduos da espécie “i” na população.

ShannonWeiner é obtido neste script pela fórmula  $H' = -\sum p_i \ln p_i$ , o que não é a forma mais comum, mas faz mais sentido. A maioria dos trabalhos utiliza ShannonWeiner calculado com base no logaritmo natural (Ln). A adoção de um ou outro, no entanto, não faz muita diferença para o resultado final. Para obter os valores de H com base no logaritmo natural, basta apagar “`,base=2`” (incluindo a vírgula) ao final das linhas 193 e 194, onde calculase ShannonWeiner com base em densidade e dominância, respectivamente. Para mais informações consulte a ajuda dos cálculos de diversidade com o comando `help(diversity)` - somente funcionará se o pacote “vegan” estiver carregado.

Os indicadores de variação sobre as barras mostram também o erro-padrão. Este erro-padrão foi obtido, no entanto, a partir da variação entre as médias de tratamentos, e não entre os pontos amostrados em cada tratamento.

#### 5) Agrupamento por dissimilaridade

A análise de agrupamento inicia com o cálculo da semelhança (similaridade) entre os tratamentos, aos pares, quanto ao número de espécies de plantas daninhas que eles apresentam em comum, conforme discutido em Concenço et al. (2013). A fórmula adotada é a de Jaccard:

$$J = \frac{c}{a+b-c}$$

Fórmula tradicional:

$$J = \frac{c}{a+b+c}$$

Fórmula modificada:

onde J = coeficiente de similaridade de Jaccard; a = número de espécies na área “a”; b = número de espécies na área “b”; c = número de espécies comuns às áreas “a” e “b”. As dissimilaridades são então obtidas por  $D_i = 1 - J$ , onde  $D_i$  = dissimilaridade (distância) de Jaccard; e J = similaridade de Jaccard.

O pacote `vegan` obtém por padrão a estimativa das distâncias por Jaccard de maneira muito diferente da usual, e por isso optouse por não utilizá-la. O pacote `vegan`, através do comando `vegdist`, calcula primeiro a dissimilaridade de BrayCurtis utilizando-a para o cálculo de Jaccard por uma fórmula bastante distinta. Para mais informações, consulte `help(vegdist)`. Assim, a linha 216 pode ser alterada das seguintes formas a critério do utilizador:

Para cálculo de Jaccard pela fórmula consagrada (padrão do script):

```
similaridades<-designdist(DeN2, "J/ (A+B-J) ")
```

Para cálculo de Jaccard pela fórmula modificada (não recomendado):

```
similaridades<-designdist(DeN2, "J/ (A+B+J) ")
```

Para cálculo pelo método adotado no pacote vegan (BrayCurtis + Jaccard):

```
distancias<-vegdist(DeN2,method="jaccard")
```

Ao optar por este método, a linha 217 (`distancias<-1-similaridades`) deve ser removida

O agrupamento é ordenado e executado por padrão pelo método UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages). Para detalhes sobre o método sugere-se consultar o sistema de ajuda do R: `help(hclust)`.

Na base da figura é impresso o valor do coeficiente de correlação linear de Pearson entre a matriz original de distâncias e a matriz cofenética, cujo valor estará entre "0" e "1". Para detalhes de como a matriz cofenética é obtida no R, sugere-se consultar a ajuda: `help(cophenetic)`. O script calcula ainda a significância do coeficiente de correlação cofenética, sendo "ns" adicionado ao coeficiente de correlação quando  $p > 0,05$  e "\*" sendo apresentado quando  $p \leq 0,05$ . Para ajuda pode-se consultar `help(cor.test)`.

## Referências

---

- ADEGAS, F. S.; OLIVEIRA, M. F.; VIEIRA, O. V.; PRETE, C. E. C.; GAZZIERO, D. L. P.; VOLL, E. Levantamento fitossociológico de plantas daninhas na cultura do girassol. **Planta Daninha**, Campinas, v. 28, n. 4, p. 705-716, 2010.
- BARBOUR, M. G.; BURK, J. H.; PITTS, W. D.; GILLIAM, F. S.; SCHWARTZ, M. W. **Terrestrial plant ecology**. Menlo Park: Benjamin/Cummings, 1998. 688 p.
- CONCENÇO, G.; TOMAZI, M.; CORREIA, I. V. T.; SANTOS, S. A.; GALON, L. Phytosociological surveys: tools for weed science? **Planta Daninha**, Campinas, v. 31, n. 2, p. 469-482, 2013.
- FIALHO, C. M. T.; SANTOS, J. B.; FREITAS, M. A. M.; FRANÇA, A. C.; SILVA, A. A.; SANTOS, E. A. Fitossociologia da comunidade de plantas daninhas na cultura da soja transgênica sob dois sistemas de preparo do solo. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 12, n. 1, p. 9-17, 2011.
- FRENEDOSO-SOAVE, R. C. Phytosociological studies on natural establishment of vegetation in an unreclaimed limestone mining. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 46, n. 2, p. 259-269, 2003.
- GREIG-SMITH, P. **Quantitative plant ecology**. London: Butterworths, 1964. 256 p.
- GUGLIERI-CAPORAL, A.; CAPORAL, F. J. M.; POTT, A. Phytosociology of sown pasture weeds under two levels of degradation in Brazilian savanna areas, Mato Grosso do Sul State, Brazil. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 40, n. 3, p. 312-321, 2010.
- MALIK, N. Z.; ARSHAD, M.; MIRZA, S. N. Phytosociological attributes of different plant communities of Pir Chinasi hills of Azad Jammu and Kashmir. **International Journal of Agriculture and Biology**, Pakistan, v. 9, n. 4, p. 569-574, 2007.
- McMANUS, J. W.; PAULY, D. Measuring ecological stress: variations on a theme by R. M. Warwick. **Marine Biology**, Heidelberg, v. 106, n. 2, p. 305-308, 1990.
- PANDEYA, S. C.; PURI, G. S.; SINGH, J. S. **Research methods in plant ecology**. New York: Asia Publishing House, 1968. 272 p.
- R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2014. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso em: 25 jul. 2014.





---

## ***Agropecuária Oeste***

Ministério da  
**Agricultura, Pecuária  
e Abastecimento**



CGPE 12257